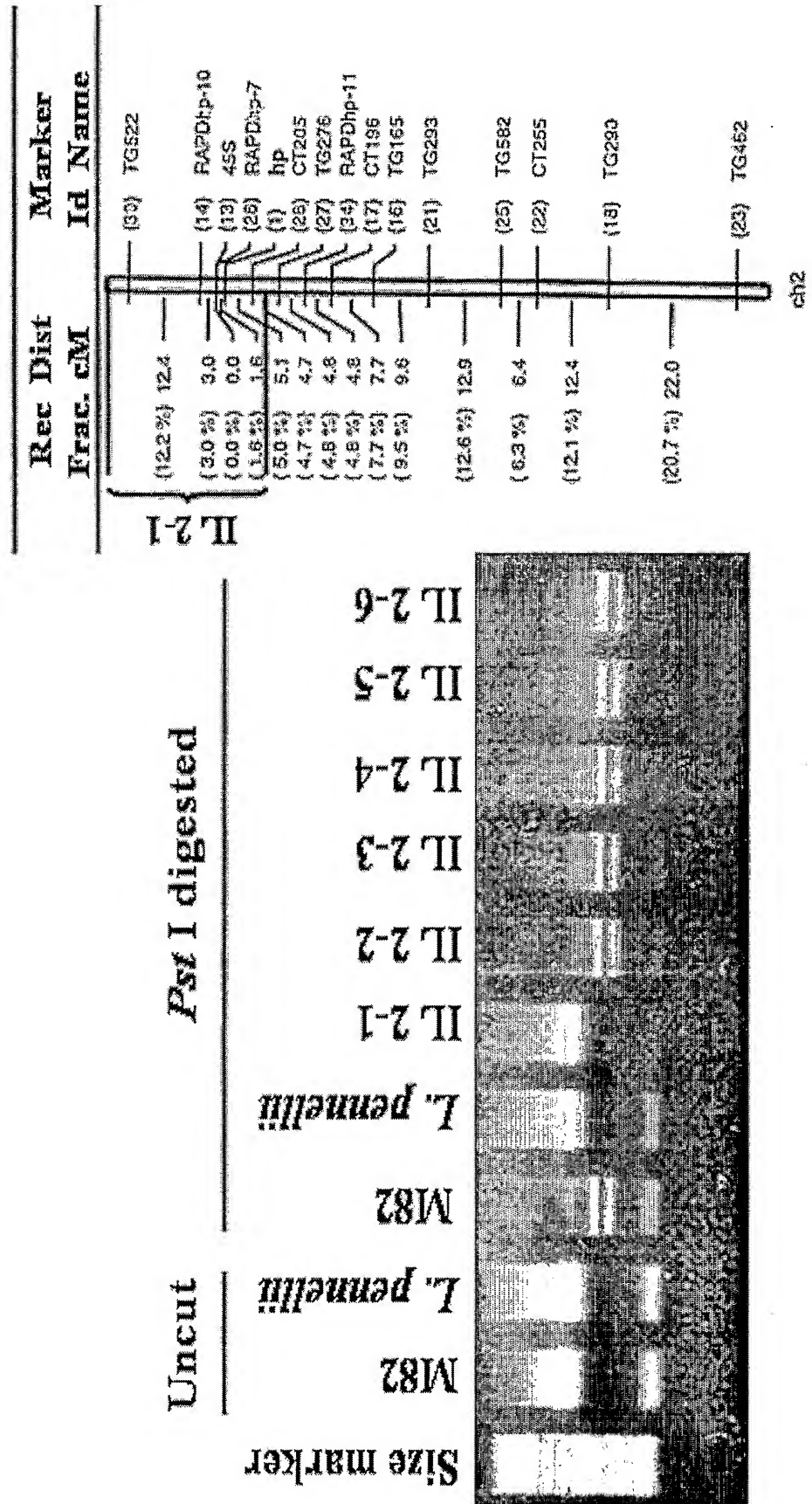Fig. 1.

CTCATGAGAAGGAGAAGTGCGTCAGCATTTTCTAGACTGTCATTTCTACTTTAGCTGAGT

TGCTGGGAATGAAATCTTCTCTTGTACCCCTGCCTGGTTGCTGGAATAAAAATGTTTAAT

TTGGATTGTTAACC<u>TGTTTTCCAGAGTTACCGGAC</u>TCAAAATTGAGCTACTGGGGGAAAC

TTCTATTGCATCAACCATATCATACCTAGAC**A/T***ATGCTTTTGTCTTCATT*GGCTCAAG

<u>CTA</u>CGGAGATTCACAGGTACTTTTAACTGTTGAGTGCATCTTGGTGCAATAAGTTGGTTT

TTAGAGCTGCCTTATTGTATTTTCCATACAGTAGCCTTTCATTCATTTGGAACATTGAGG

TTTTAAATTTCAGTTGCCTATTTCTGGTGGTGCTTCATATTTCACAGTTCCACTAATATT

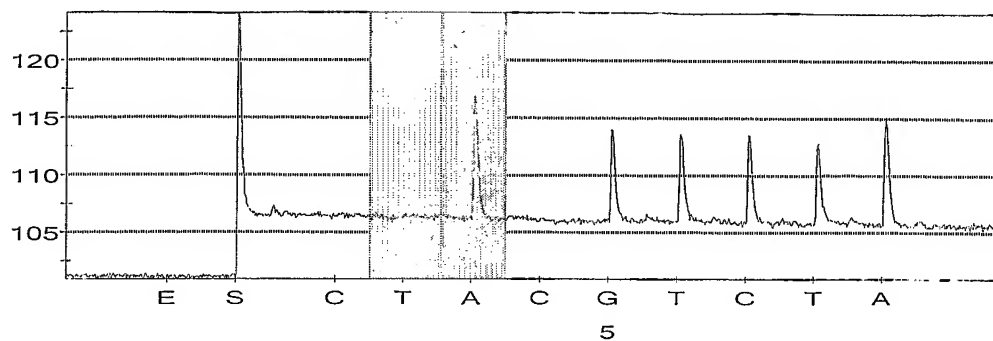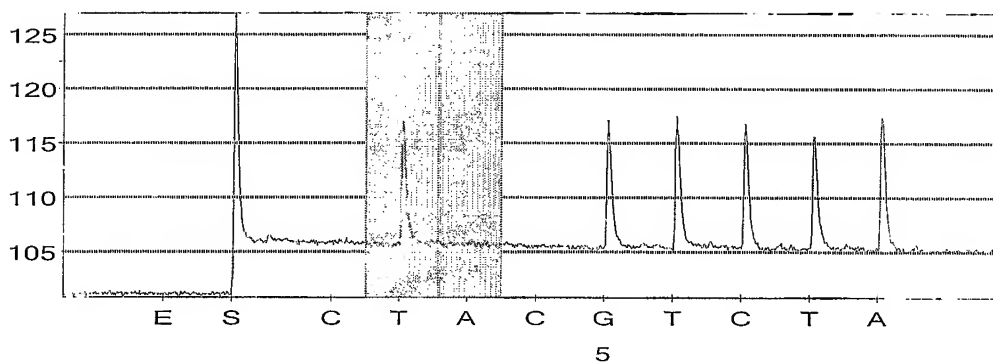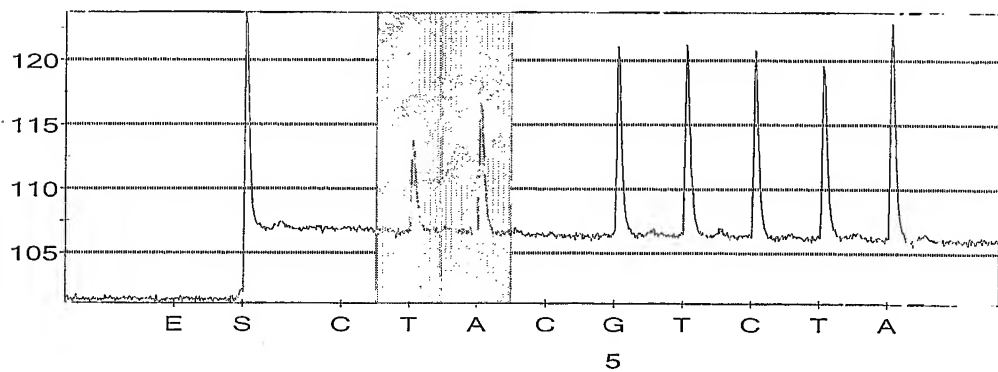TTTGAATTCACGTTTAGCTTGTAAAGCTCAATCTCCAGCCTGACACCAAA

Fig. 2

Fig. 3

a. *hp-1/hp-1*

b. *+/+*

c. *hp-1/+*

Fig. 4

a. *hp-1* (Asn>Tyr)

b. *hp-1*ᵂ (Glu>Lys)

Fig. 5

```
   1 ATGAGTGTATGGAACTACGTGGTTACGGCTCACAAACCAACAAAATGTTACACATTCCTGTGTTGGCAATTCACCGGTCC
  81 TCAAGAGCTCAATCTTATCATTGCCAAATGTACTCGGAATCGAGAGATTCATTTACTTACTCCCCAAGGTTTACAGCCTATGT
 161 TAGATGTGCCAATATATGGGAGGATCGCGACACTTGAGCTTTTCGTCCTCACGGTGAAACACAAGATCTTCTTCATC
 241 GCAACAGAGCGATATAAATTCTGTGTCCCACAGATAAATGGTCAGATTGGTATAATTGATCCAGATTGCAGAAGTGGGAGATGT
 321 GTCAGACCGAATAGGCCGTCCCACAGATAATGGTCAGATTGGTATAATTGATCCAGATTGCAGATTGATCGGGCTACATC
 401 TTTATGATGGACTATTTAAGGTTATTCCATTTGATAACAAAGGCCAACTGAAGGAAGCTTTAACATCAGGCTCGAGGAG
 481 CTTCAAGTTTAGATATTAAATTCTTGTATGGTTGCCCAAAGCCTACAATTGTTGTTCTATATCAGGATAACAAGGATGC
 561 CCGGCATGTCAAAACATATGAGGTGTCCTTGAAAGACAAAGATTTTATTGAAGGGCTCAAAATAAATCTTGATA
 641 ATGGAGCTTCTTTGCTAATACCAGTACCTCCCAATTAGACCTTCTATCACAAGAGCATATGGGCGGTTGATGCTGATGGTTCTCG
 721 AGCGCTTCAGCTTTTAAGGCTATCCCAGATAAATGGCTCATCATGGGATCATAATGGTCTTCTTCACCTACTTGTAATCACTCGA
 801 ATATTTGCTTGGGGATCATAATGGGCTTCTTCACCTACTTGTAATCACTCGACTAGACA**A**ATGCTTTTGTCTTCATTGCTCAAGCTAC
 881 TTGAGCTACTGGGGGAAACTTCTATTGCATCAACCATATCATACCTAGACA**A**ATGCTTTTGTCTTCATTGCTCAAGCTAC
 961 GGAGATTCACAGCTTGTAAAGCTCAATCTCCAGCCTGACACCCAAAGGTTCTTATGTGGAAGTTCTAGAGAGATATGTCAA
1041 TTTAGGACCTATTGTGACCTTCTGTGTTGTTGATCTGGAAAGGCAAGGTCAAGGTTGTAACTTGCTCTGGAGCCT
1121 ATAAGGATGGATCACTTCGTATTGTTCGAAATGGAATTGGCATAAAATGAACAGGCGTCTGTGGAACTACAAGGGATCAAA
1201 GGAATGTGGTCTCTTAGAGATCTGCTACTGCTACTGAGTCGGAAGATAGAGCTTCAATTCTTGGTTGTGTTAGCTTCATTAGTAGTTGAGACACGCGT
1281 TTTGGCTATGAACCTTGAGGATGAGCTGGAAGAAAACTGAGAGATAGAAACTGAGAAGGCTTCAAGTCCAGACCTTGTTTGTC
1361 ATGATGCTGTATACAACCAGCTTGTTGTTCAGGTTACTTCAAATTCTGTTAGATTGGTCAGTTCTACCTCTAGAGATCTGAAA
1441 AACGAGTGGTTTGCCCCAGTCGGCTACTCGGTCAATGTTGCAACTGCTAATGCTAATGGCTACTATTGGCTACTGGGGG
1521 TGGCCATCTGGTATACCTAGAAATTGGTGAGAAATTGGTGATGGGTGTTGAAGTAAATAATGCCAAGTTGATTATGATATCTGT
1601 GCCTGGACATAAATCCAATTGGTGAAATCCGAACTACAGTAACATTGCAGCAGTTGGAATGTGGACAGACATAAGTGTC
1681 AGGATATATTCACTTCCTGACTTGAAATCTCATTACAAAGGAACAGCTAGGAGGGGAGATAATCCTCGTTCGTTCTGAT
1761 GTGTTCCTTCGAAGGGGATATCTTATCTACTACTGTGCTTTGGGAGATGGCCCATCTCTTGAATTTGTATTTGTGATTTGTGAGCATGAGTA
1841 CTGGTGAGCTGACAGATAGGAGAAAAAAGTTTCTTCTTGGGACACAGCCCATAAACACTTCGTACATTCTCATCTAAAGATACT
```

```
1921 ACACATGTCTTTGCTGCCTCCGATAGGCCAACAGTTATTTACAGCAGTAACAAGAAGCTGCTTTATAGCAATGTAAATCT
2001 AAAAGAAGTTAGTCATATGTGCCCATTCAATGTTGCAGCTTTCCAGACAGCCTTGCAATCGCTAAAGAAGGTGAGTTAA
2081 CAATTGGCACTATTGATGAAATTCAAAAGCTTCACATTCGTTCAATACCCCTTGGGAGCATGCACGTCCGCATCAGCCAT
2161 CAAGAGCAGACCCGGACATTTGCTCTATGCAGTGTGAAGTATACTCAGTCAAATGCAGATGATCCTGAAATGCATTTTGT
2241 CCGCCTGTTGGATGATCAGACATTTGAGTTCATATCAACATATCCCCTTGACCAATTTGAATATGGCTGTTCCATACTAA
2321 GCTGCTCCTTTTCTGATGATAGTAATGTGTATTATTGCATTGGAACTGCATATGTGATGCCAGAGGAAAATGAACCTACT
2401 AAGGGCCGAATTTTAGTTTTTATAGTTGAAGATGGAAAGCTCCAGCTAATTGCTGAGAAGAAACTAAGGGAGCTGTCTA
2481 CTCTCTAAAATGCCTTCAAATGGGAAACTGCTTGCTGCAATCAATCAGAAGATTCAATTGTACAAGTGGGCTTCGCGTGAGG
2561 ATGGTGGCAGCCGAGAATTGCAGACAGAATTGGACACCACCATGGTCATATATTAGCTCTCTTTATGTTCAAACACGTGGGGAT
2641 TTCATTGTTGTTGGTGATTTGATGAAATCCATTTCTCTGCTGATTTGAGATTCTGATGATGACCATTTATCTTGGTGCTGAGAATAACTTCA
2721 CAGAGACTATAATGCAAATTGGATGTCAGCTGTTGAGGTCTACAGATGAGGAGCGCAGCCGTCTTGAAGTGGTTGGTGAATACCAC
2801 ACCTTTTCACGGTCAGGAGAAAAATAGTGAAGGTGCTACAGTGGTTCACTTGTCATGGTTTAGACATGGTTTAGACATGGGTGTTATAGGGGTGTGGGGATATAAAGGGGTGTGGGGAGC
2881 CTTGGCGAATTTGTTAATAGGTTTAGACATGGTGTTATAGGGGTGTTATAGGGGTGATAAAGGGTGTGGGGAGC
2961 TGTCATATTTGGCACAGTGAATGGTGTTATAGGGGTGATAAAGGGTGTGGGGAGC
3041 TGCAGACAAACTTACGGAAAGTGATAAAGGGTGATAAAGGGTGATAAAGGGTCGTTTTACAATGAGAAG
3121 AAAACAGTAGATGCTAAAAAACTTTCTTGATGGAGATTTGATTGAATCATTCCTAGATCTTAGCAGGAATAGGATGGAAGA
3201 GATTTCAAAGGCTATGTCAGTTCCAGTTGAGGAACTAATGAAGAGAGAGTGAAGAGTTGACAAGGTTGCATTAG
```

Fig. 6

```
   1 MSVWNYVVTAHKPTNVTHSCVGNFTGPQELNLIIAKCTRIEIHLLTPQGLQPMLDVPIYGRIATLELFRPHGETQDLLFI
  81 ATERYKFCVLQWDTEASEVITRAMGDVSDRIGRPTDNGQIGIIDPDCRLIGLHLYDGLFKVIPFDNKGQLKEAFNIRLEE
 161 LQVLDIKFLYGCPKPTIVVLYQDNKDARHVKTYEVSLKDKDFIEGPWAQNNLDNGASLLIPVPPLCGVLIIGEETIVYC
 241 SASAFKAIPIRPSITRAYGRVDADGSRYLLGDHNGLLHLLVITHEKEKVTGLKIELLGETSIASTISYLDNAFVFIGSSY
 321 GDSQLVKLNLQPDTKGSYVEVLERYVNLGPIVDFCVVDLERQGQGQVVTCSGAYKDGSLRIVRNGIGINEQASVELQGIK
 401 GMWSLRSATDDPYDTFLVVSFISETRVLAMNLEDELEETEIEGENSQVQTLFCHDAVYNQLVQVTSNSVRLVSSTSRDLK
 481 NEWFAPVGYSVNVATANATQVLLATGGGHLVYLEIGDGVLNEVKYAKLDYDISCLDINPIGENPNYSNIAAVGMWTDISV
 561 RIYSLPDLNLITKEQLGGEIIPRSVLMCSFEGISYLLCALGDGHLLNFVLSMSTGELTDRKKVSLGTQPITLRTFSSKDT
 641 THVFAASDRPTVIYSSNKKLLYSNVNLKEVSHMCPFNVAAFPDSLAIAKEGELTIGTIDEIQKLHIRSIPLGEHARRISH
 721 QEQTRTFALCSVKYTQSNADDPEMHFVRLLDDQTFEFISTYPLDQFEYGCSILSCSFSDDSNVYYCIGTAYVMPEENEPT
 801 KGRILVFIVEDGKLQLIAEKETKGAVYSLNAFNGKLLAAINQKIQLYKWASREDGGSRELQTECGHHGHILALYVQTRGD
 881 FIVVGDLMKSISLLIFKHEEGAIEERARDYNANWMSAVEILDDDIYLGAENNENLFTVRKNSEGATDEERSRLEVVGEYH
 961 LGEFVNRFRHGSLVMRLPDSDVGQIPTVIFGTVNGVIGVIASLPHDQYLFEKLQTNLRKVIKGVGGLSHEQWRSFYNEK
1041 KTVDAKNFLDGDLIESFLDLSRNRMEEISKAMSVPVEELMKRVEELTRLH
```